

Molecular and evolutionary analyses of Dictyostelium discoideum mitochondrial DNA

著者	Angata Kiyohiko
内容記述	Thesis (Ph.D. in Science)--University of Tsukuba, (A), no. 1329, 1995.3.23
発行年	1995
URL	http://hdl.handle.net/2241/5237

氏 名(本 籍)	あん がた きよ ひこ 安 形 清 彦 (静 岡 県)
学 位 の 種 類	博 士 (理 学)
学 位 記 番 号	博 甲 第 1,329 号
学 位 授 与 年 月 日	平 成 7 年 3 月 23 日
学 位 授 与 の 要 件	学 位 規 則 第 5 条 第 1 項 該 当
審 査 研 究 科	生 物 科 学 研 究 科
学 位 論 文 題 目	Molecular and evolutionary analyses of <i>Dictyostelium discoideum</i> mitochondrial DNA (細胞性粘菌ミトコンドリア DNA の分子的及び進化的解析)
主 査	筑波大学教授 農学博士 田 仲 可 昌
副 査	筑波大学教授 理学博士 柳 澤 嘉一郎
副 査	筑波大学教授 理学博士 堀 輝 三
副 査	筑波大学助教授 理学博士 林 純 一

論 文 の 要 旨

本論文で申請者は、生物進化の比較的早い時期に分岐したと考えられている細胞性粘菌（以下粘菌）のミトコンドリア（mt）DNA（約54 kb）に注目し、一部の塩基配列の決定とその解析や、粘菌の18種43株についてリボソーム大サブユニット遺伝子中に存在するグループⅠイントロンを解析し、mtそして細胞性粘菌の進化について考察し、以下の様な結果を得ている。

1) 粘菌 mtDNA の約27 kb の領域をクローニングし、約14 kb について塩基配列を決定した。この領域には6種のタンパク質と1種のタンパク質のN末側部分、2種のrRNA〔大サブユニット（LSUrRNA）と小サブユニット（SSUrRNA）〕そして9種のtRNAの各遺伝子がコードされ、LSUrRNA 遺伝子の3'側には1個のイントロンが存在していることを明らかにした。2) 粘菌 mtDNA は、AT-化の傾向を強く受けているにも拘らず、粘菌と他生物のコードンの比較やtRNAのアンチコードンを比較検討した結果から、粘菌のmtは普遍暗号を使用しているものと結論した。3) 粘菌 mtDNA が植物や藻類のmtDNA 同様に、動物や菌類のmtDNA よりも多くの遺伝子を保持していること、さらにシトクロームbのアミノ酸配列とSSUrRNAの塩基配列を用いた分子系統樹から、粘菌mtが動物や菌類のmtよりも、植物と藻類のmtに近い可能性を提案した。4) LSurRNA 遺伝子中に存在するこの生物のグループⅠイントロン（DdLSU.1）は、2種の藻類mtのグループⅠイントロンが挿入されている部位に挿入されており、また同じサブグループに分類されることを示した。5) 18種43株の粘菌についてPCR解析を行い、粘菌には属や種あるいは採取された場所などに関係なくDdLSU.1と同じ部位にイントロンが存在しているものがあること、また今までに報告されていない新しい部位に挿

入されているイントロンを見つけた。6) PCR 産物の塩基配列を決定し、ある種の粘菌には、酵母 mt のLSUrRNA 中のグループ I イントロンにコードされる DNA エンドヌクレアーゼとの相同性を見られる ORF, あるいはその名残が存在していることを明らかにしている。これらの結果から、グループ I イントロン中の ORF が退化・消失していく過程や、菌類-藻類-粘菌の mt の *LSUrRNA* 遺伝子中に存在するグループ I イントロンは共通の起源から派生した可能性を示した。

審 査 の 要 旨

ミトコンドリア (mt) は原核生物が原始真核細胞に共生して生じたと考えられているが、mt が共生後にどのように進化してきたのかは大きな謎に包まれている。本論文は、原生生物粘菌の mtDNA に注目し、その DNA の一部の塩基配列の決定と解析を通して、mt そして粘菌の進化に関する考察を行ったものである。

まず、粘菌 mtDNA (約54 kb) のうち14 kb の配列を決定し、そこにコードされている遺伝子について解析し、この生物の mt では植物や藻類のように普遍暗号を用いていること、分子系統樹やLSUrRNA 中のグループ I イントロンの比較から、この生物の mt は植物や藻類のそれに近いことを明らかにしている。また、18種43株の粘菌について、このグループ I イントロンを PCR 法で調べ、株間におけるイントロンの分布様式を示すとともに、イントロン中にコードされている遺伝子が退化する過程について新しい可能性を提示した。この発見はグループ I イントロンの研究に関して、新しい発展をもたらす独創的なものになっている。

よって、著者は博士(理学)の学位を受けるに十分な資格を有するものと認める。